Fiche protocole : Logiciel Phylogène

Phylogène est un logiciel gratuit, permettant de réaliser des phylogénies, c'est-à-dire d'établir des relations de parentés entre des organismes. Pour cela, Phylogène dispose d'un vaste ensemble de données sur de nombreuses espèces : mode de vie, morphologie, anatomie, ainsi que des données moléculaires (séquences de gènes et de protéines). Phylogène fait partie des logiciels dont l'utilisation peut être demandée à l'occasion de l'Evaluation des Capacités Expérimentales en Terminale S.
Phylogène est réalisé et distribué par l'INRP : http://www.inrp.fr/Acces/biotic/evolut/phylogene/accueil.htm

Ouvrir un tableau

Phylogène a besoin de données pour pouvoir être utilisé. Deux types de fichiers sont principalement utilisables :

- les tableaux de **molécules**, pour ces comparaisons moléculaires (.aln) ;
- les tableaux de **caractères**, pour des comparaisons morpho-anatomiques (.tab). *(ces tableaux correspondent à ce que l'on appelle des **matrices de caractères**)*

Pour cela : `Fichier > Ouvrir > Tableau de caractère` *ou* `Tableau de molécules`

Observer une espèce

Choisir : `Observer`
A partir d'un tableau de caractères, on peut observer un espèce soit en la sélectionnant dans la liste en bas à gauche, soit en cliquant sur l'icône ci-contre pour aboutir à une page présentant toutes les espèces du tableau.

Les menus défilant situés en bas permettent de choisir les données visualisées : image de l'espèce, données sur son mode de vie, de reproduction, anatomie de ses membres, de ses téguments, de son cœur, etc.
Les espèces présentant la lettre **`F`** à côté de leur image sont des espèces fossiles.

Comparer des espèces

Choisir : `Comparer`
On peut alors sélectionner (comme pour « observer une espèce ») de une à quatre espèces différentes. Attention aux espèces fossiles : certaines données ne sont pas disponibles.

Réaliser des tableaux de caractères personnalisés

Une fois un tableau de caractères ouvert, cliquer sur le bouton `Effacer`
Puis sélectionner les espèces désirées (à partir de leurs images) et les caractères voulus (à partir de la liste présentée).
Remplir alors le tableau :

- Aller sur chaque case, et choisir la valeur du caractère, parmi celles proposées ;
- Une aide est fournie à chaque fois, en bas à droite ;
- Cliquer sur `vérifier`, et corriger si besoin (les cases erronées sont entourées de rouge).

Construire un arbre à partir de données anatomiques

Il faut d'abords avoir un tableau de caractère (soit fourni, soit personnalisé) sans erreur.
Choisir : `Arbre`
Un arbre apparaît. On peut alors :

- déplacer des espèces en maintenant le bouton gauche de la souris enfoncé sur la branche de l'espèce, pour l'amener à l'endroit qui semble le plus pertinent ;
- faire apparaître les états d'un caractère, en cliquant sur la colonne du caractère dans la matrice de caractères

Deux boutons utiles :

pour annuler la dernière action

pour afficher sur l'arbre l'état des caractères

Construire un arbre à partir de données moléculaires

Il faut d'abords ouvrir un tableau de molécules.
Sélectionner les molécules voulues en cliquant sur le nom des espèces, ou par le bouton « `tout sélectionner` ».
Si besoin (mais cela vous sera alors précisé), aligner les molécules, en cliquant sur le bouton `Aligner`.
On peut alors :

- Afficher automatiquement l'arbre calculé par le logiciel : `Arbre`
- Afficher la matrice des distances : `Matrice des distances`

La matrice des distances donne les valeurs utilisées par le logiciel pour construire l'arbre : Entre deux espèces, une valeur de distance est calculée, à partir de la comparaison des séquences de la molécule chez les deux espèces. Plus les séquences diffèrent, plus la valeur est importante.